

## 0.a. Objectif

Objectif 2 : Éliminer la faim, assurer la sécurité alimentaire, améliorer la nutrition et promouvoir l'agriculture durable

## 0.b. Cible

Cible 2.5 : D'ici 2020, maintenir la diversité génétique des semences, des plantes cultivées et des animaux d'élevage et domestiqués et des espèces sauvages qui leur sont apparentées, notamment grâce à des banques de semences et de plantes bien gérées et diversifiées aux niveaux national, régional et international, et promouvoir l'accès et le partage juste et équitable des avantages découlant de l'utilisation des ressources génétiques et des connaissances traditionnelles associées, tel que convenu internationalement

## 0.c. Indicateur

Indicateur 2.5.1 : Nombre de ressources génétiques (a) végétales et (b) animales destinées à l'alimentation et à l'agriculture sécurisées dans des installations de conservation à moyen ou à long terme

## 0.e. Mise à jour des métadonnées

2022-03-31

## 0.f. Indicateurs connexes

Indicateur 2.5.1b sur les ressources zoogénétiques.

## 0.g. Organisation(s) internationale(s) responsable(s) de la surveillance mondiale

Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO)

## 1.a. Organisation

Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO)

## 2.a. Définition et concepts

### Définition :

La conservation des ressources génétiques végétales et animales pour l'alimentation et l'agriculture (RGAA) dans des installations de conservation à moyen ou long terme (*ex situ*, dans les banques de gènes) représente le moyen le plus fiable de conserver les ressources génétiques dans le monde. Les

RGAA végétales et animales conservées dans ces installations peuvent également être facilement utilisées dans les programmes de sélection, même directement à la ferme.

La mesure des tendances des matériaux conservés *ex situ* fournit une évaluation globale de la mesure dans laquelle nous parvenons à maintenir et/ou à accroître la diversité génétique totale disponible pour une utilisation future et donc à la protéger de toute perte permanente de diversité génétique qui pourrait survenir dans l'habitat naturel, c'est-à-dire *in situ*, ou à la ferme.

Les deux composantes de l'indicateur 2.5.1, les RGAA (a) végétales et (b) animales, sont comptées séparément.

La composante végétale est calculée comme le nombre d'accessions de ressources phytogénétiques obtenues dans des installations de conservation dans des conditions à moyen ou à long terme, où une « accession » est définie comme un échantillon distinct de semences, de matériel de plantation ou de plantes qui est conservé dans une banque de gènes. Les Normes applicables aux banques de gènes pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (accessibles à l'adresse <http://www.fao.org/publications/card/fr/c/db9bb2f1-da1a-5aa8-b9d7-507ddc2b570f>), établissent la référence en matière de meilleures pratiques scientifiques et techniques actuelles pour la conservation des ressources phytogénétiques et soutiennent les principaux instruments politiques internationaux pour la conservation et l'utilisation de celles-ci. Ces normes volontaires ont été approuvées par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO à sa quatorzième session ordinaire (<https://www.fao.org/3/mg538f/mg538f.pdf>).

### Concepts :

Ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (RPGAA) : Tout matériel génétique d'origine végétale ayant une valeur réelle ou potentielle pour l'alimentation et l'agriculture.

Accession : Une accession est définie comme un échantillon de semences, de matériel de plantation ou de plantes représentant soit une population sauvage, une race locale, une lignée de sélection ou un cultivar amélioré, qui est conservé dans une banque de gènes. Chaque accession doit être distincte et, en termes d'intégrité génétique, aussi proche que possible de l'échantillon fourni à l'origine.

Collection de base : Une collection de base est définie comme un ensemble d'accessions uniques à conserver pour une période à moyen ou à long terme.

Collection active : Une collection active est définie comme un ensemble d'accessions distinctes qui est utilisé pour la régénération, la multiplication, la distribution, la caractérisation et l'évaluation. Les collections actives sont conservées dans des installations de conservation à court ou à moyen terme et généralement dupliquées dans une collection de base.

Installations de conservation à moyen ou à long terme : La diversité biologique est souvent conservée *ex situ*, en dehors de son habitat naturel, dans des installations appelées banques de gènes. Dans le cas des ressources phytogénétiques, les banques de gènes conservent les collections de base dans des conditions de stockage à moyen ou à long terme, sous forme de semences en chambre froide, de plantes en plein champ et de tissus *in vitro* et/ou cryoconservés.

## 2.b. Unité de mesure

---

Nombre d'accessions uniques de ressources phytogénétiques obtenues dans des installations de conservation à moyen et à long terme, où une « accession » est définie comme un échantillon distinct de semences, de matériel de plantation ou de plantes qui est conservé dans une banque de gènes.

## 2.c. Classifications

---

Les Normes applicables aux banques de gènes pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (accessibles à l'adresse <http://www.fao.org/publications/card/fr/c/db9bb2f1-da1a-5aa8-b9d7-507ddc2b570f>), établissent la référence en matière de meilleures pratiques scientifiques et techniques actuelles pour la conservation des ressources phytogénétiques et soutiennent les principaux instruments politiques internationaux pour la conservation et l'utilisation des ressources phytogénétiques. Ces normes volontaires ont été approuvées par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO à sa quatorzième session ordinaire (([en anglais](#)) <http://www.fao.org/docrep/meeting/028/mg538e.pdf>).

### 3.a. Sources de données

---

Les données proviennent de points focaux nationaux (PFN) officiellement désignés (voir <http://www.fao.org/agriculture/crops/thematic-sitemap/theme/seeds-pgr/gpa/national-focal-points/fr/>) et de centres de recherche agricole régionaux et internationaux détenant des collections de RPGAA *ex situ*. Les fournisseurs de données communiquent soit (i) directement à la FAO en utilisant la feuille de calcul contenue dans le document Liste des descripteurs pour le rapport de l'indicateur 2.5.1a des ODD (voir Références) accessible à partir de la page d'accueil du WIEWS (<http://www.fao.org/wiews/fr/>) ou (ii) par le biais de systèmes d'information publiés qui sont conformes à la norme de la « FAO/Bioversity Multi-crop Passport Descriptor List (MCPD) v. 2 » (voir Références), par exemple EURISCO (<http://eurisco.ipk-gatersleben.de/> ([en anglais](#))) et Genesys (<https://www.genesys-pgr.org> ([en anglais](#))).

Les données sont stockées dans le Système mondial d'information et d'alerte rapide sur les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (WIEWS - <http://www.fao.org/wiews/fr/>), la plateforme de la FAO créée pour faciliter l'échange d'informations ainsi que des évaluations périodiques de l'état des ressources phytogénétiques mondiales pour l'alimentation et l'agriculture.

### 3.b. Méthode de collecte des données

---

L'indicateur est lié à un cadre de suivi approuvé par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO, dans lequel l'état et les tendances des ressources génétiques végétales et animales sont décrits au moyen d'indicateurs convenus à l'échelle mondiale et d'évaluations régulières menées par les pays. Les correspondants nationaux officiellement nommés rendent compte directement à la FAO, en utilisant un format approuvé par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO.

Les sessions des groupes de travail techniques intergouvernementaux sur les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture permettent des processus de consultation formels.

### 3.c. Calendrier de collecte des données

---

La collecte de données est effectuée chaque année dans le cadre de la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO.

### 3.d. Calendrier de diffusion des données

---

Premier trimestre de l'année.

### 3.e. Fournisseurs de données

---

Les correspondants nationaux officiellement nommés et les gestionnaires des banques de gènes régionales / internationales. Pour des informations par pays, consulter le lien suivant pour les ressources phytogénétiques <http://www.fao.org/agriculture/crops/thematic-sitemap/theme/seeds-pgr/gpa/national-focal-points/fr/>.

### 3.f. Compilateurs des données

---

Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO)

### 3.g. Mandat institutionnel

---

Les correspondants nationaux pour les ressources phytogénétiques sont chargés de fournir des données nationales sur l'indicateur. Leur mandat a été détaillé dans des lettres circulaires demandant aux pays de faire rapport par l'intermédiaire de leurs correspondants nationaux (consulter <http://www.fao.org/agriculture/crops/thematic-sitemap/theme/seeds-pgr/gpa/national-focal-points/fr/>).

### 4.a. Justification

---

Les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture fournissent les éléments constitutifs de la sécurité alimentaire et, directement ou indirectement, soutiennent les moyens de subsistance de chaque personne sur terre. Comme la conservation et l'accessibilité à ces ressources sont d'une importance vitale, des installations de conservation à moyen ou à long terme (banques de gènes) ont été mises en place aux niveaux national, régional et mondial pour préserver et rendre ces ressources et les informations qui leur sont associées accessibles à la sélection et à la recherche. Les inventaires des banques de gènes fournissent une mesure dynamique de la diversité végétale et animale existante et de son niveau de conservation. Les données pertinentes pour cet indicateur facilitent le suivi de la diversité sécurisée et accessible par le biais des banques de gènes et soutiennent l'élaboration et la mise à jour de stratégies de conservation et d'utilisation durable des ressources génétiques.

L'indicateur est lié à un cadre de suivi approuvé par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO, dans lequel l'état et les tendances des ressources génétiques végétales et animales sont décrits au moyen d'indicateurs convenus à l'échelle mondiale et d'évaluations régulières menées par les pays.

Le nombre de matériaux conservés dans des conditions de stockage à moyen ou à long terme fournit une mesure indirecte de la diversité génétique totale, qui sont gérés de manière à garantir une utilisation future. Dans l'ensemble, les variations positives correspondent donc à une augmentation de l'agrobiodiversité préservée, tandis que les variations négatives à une perte de celle-ci.

Il faut faire preuve de prudence dans la déclaration et l'interprétation de l'indicateur. Dans le cas des ressources phytogénétiques, un ajout incontrôlé d'accessions qui sont en fait des doublons d'échantillons déjà conservés et comptabilisés, ou, *vice versa*, la suppression de doublons redondants des collections signalées peut conduire à des interprétations erronées. Afin d'éviter les doublons au niveau national, il convient de signaler principalement les collections de base. Une collection active ne peut être signalée que si, en l'absence d'une collection de base, elle remplit également la fonction de la collection de base. Un autre exemple qui doit être surveillé à la fois lors de la déclaration et de l'interprétation des résultats comprend le regroupement ou le fractionnement des accessions, car dans les deux cas, la variation du nombre comptabilisé ne reflète pas une variation de la diversité génétique conservée et sécurisée. Par conséquent, il est essentiel que les pays déclarants et les centres régionaux / internationaux ainsi que les informations demandées sur le niveau des accessions, expliquent également la raison de la diminution ou de l'augmentation du nombre d'accessions, en particulier lorsque cela ne reflète pas une perte ou un gain réel de la diversité génétique conservée et sécurisée.

## 4.b. Commentaires et limites

---

De manière générale, deux questions sont préoccupantes dans l'utilisation du « nombre d'accessions » comme indicateur de la diversité dans les collections *ex situ* :

Les doublons d'accessions non détectés peuvent contribuer à une augmentation de l'indicateur, car chaque accession est une unité gérée, conservée et enregistrée comme distincte. La détection de ces doublons entraînera donc une réduction du nombre d'accessions précédemment signalées. Cela peut se produire à différents niveaux, par exemple au sein des collections des banques de gènes et également au niveau international.

Une perte de viabilité de la ou des matières conservées qui n'est pas détectée rapidement peut également ne pas se refléter dans le nombre d'accessions, ce qui contribue à une surestimation du nombre réel d'accessions.

Des informations supplémentaires pourraient être fournies par d'autres indicateurs mesurant la conservation *ex situ*, qui font partie du suivi de la mise en œuvre du Plan d'action mondial pour les RPGAA sous l'égide de la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO.

## 4.c. Méthode de calcul

---

La composante végétale de l'indicateur est calculée comme le nombre total d'accessions uniques de ressources phytogénétiques obtenues dans des installations de conservation à moyen et à long terme. Cela devrait inclure toutes les accessions dans les collections de base, et les accessions uniques stockées dans des installations de conservation à moyen terme, en tant que collections actives, uniquement lorsque ces accessions sont considérées comme faisant partie des collections de base nationales. Les collections de base peuvent comprendre à la fois des collections de semences, de champs, en cryoconservation ou *in vitro* selon les espèces conservées et les installations disponibles dans le pays.

## 4.d. Validation

---

Aucun processus de validation n'est en place.

## 4.e. Ajustements

---

Sans objet

## 4.f. Traitement des valeurs manquantes (i) au niveau national et (ii) au niveau régional

---

- **Au niveau national**

Les valeurs manquantes sont traitées comme telles et ne sont pas remplacées par des estimations.

- **Aux niveaux régional et mondial**

Les valeurs manquantes sont traitées comme telles et ne sont pas remplacées par des estimations.

## 4.g. Agrégations régionales

---

Les agrégats sont la somme des valeurs des pays.

## 4.h. Méthodes et instructions à la disposition des pays pour la compilation des données au niveau national

---

Les correspondants nationaux officiellement désignés et les gestionnaires de banques de gènes régionales ou internationales sont priés de fournir la liste des accessions conservées dans des installations de conservation à moyen ou à long terme en remplissant une feuille de calcul contenue dans le document *Liste des descripteurs pour le rapport sur l'indicateur 2.5.1a des ODD* (voir Références) accessible depuis la page d'accueil du « World Information and Early Warning System for plant genetic resources for food and agriculture » (WIEWS) (<http://www.fao.org/wiews/fr/>). Sur les 12 descripteurs de passeport qui peuvent être utilisés pour caractériser chaque accession, quatre sont obligatoires : (i) le nom de la banque de gènes (ou *code de l'institution détentrice/nom*); (ii) le *numéro d'accession*<sup>1</sup>; (iii) le nom scientifique de l'accession (*nom du taxon*, y compris le genre, l'espèce et le classement taxonomique inférieur); et iv) le mode conservation de l'accession. Il est fortement recommandé de rendre compte des autres descripteurs, car cela permet d'analyser les changements dans les différents types de diversité concernés, y compris les changements dans le type et l'origine du matériel sécurisé (par exemple, *statut biologique de l'accession*; *pays d'origine*; *banque(s) de gènes détenant les duplications de sécurité*; etc.) et cela décrit mieux la composition des matériaux sécurisés. Les descripteurs ont été approuvés par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO (voir la question 6.2 dans le *Rapport type pour le suivi de la mise en œuvre du deuxième plan d'action mondial pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture* <http://www.fao.org/3/mm294f/mm294f.pdf>). Les avoirs des banques de gènes sont comptés sur la base de la liste des accessions déclarées.

On invite les correspondants nationaux à fournir une brève analyse pour mettre en évidence et expliquer les changements survenus depuis le rapport précédent.

---

<sup>1</sup> [1](#)

## 4.i. Gestion de la qualité

---

La FAO dispense régulièrement des formations aux correspondants nationaux, en matière de collecte de données et de rapports.

## 4.j. Assurance de la qualité

---

La FAO est responsable de la qualité des processus statistiques internes utilisés pour compiler les ensembles de données publiés.

FAO 2014. Normes applicables aux banques de gènes pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture. Rome. (<http://www.fao.org/3/i3704f/i3704f.pdf>)

## 4.k. Évaluation de la qualité

---

Chaque deuxième année, la FAO organise des ateliers mondiaux de coordonnateurs nationaux pour évaluer et discuter de la collecte de données sur lesquelles l'indicateur est basé. Les indicateurs eux-mêmes sont automatiquement calculés dans DAD-IS. Des réunions sont organisées, au besoin, avec les correspondants nationaux pour évaluer et discuter des données relatives à l'indicateur et à leurs processus de collecte.

## 5. Disponibilité des données et désagrégation

---

### Disponibilité des données :

Les données recueillies dans le cadre du premier cycle de suivi de la mise en œuvre du deuxième Plan d'action mondial pour les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (RPAA) servent de référence (nombre d'accessions en juin 2014).

En février 2020, des données sur plus de 5,4 millions d'accessions provenant de 103 pays et de 17 centres internationaux/régionaux étaient en cours de publication. La collecte de données est effectuée chaque année en janvier. Des efforts continus sont déployés pour améliorer la couverture des pays et des centres internationaux/régionaux, ainsi que la qualité de l'information.

### Séries chronologiques :

Les données sont disponibles dans WIEWS pour 2014, 2016, 2017, 2018 et 2019. Les estimations de l'état de l'indicateur avant 2014 sont faites en utilisant la *date d'acquisition* des accessions telles que déclarées en 2014.

### Désagrégation :

La désagrégation géographique (nationale, régionale, mondiale) est faite. Le regroupement par sexe, âge, etc. n'est pas applicable.

## 6. Comparabilité / Dérogation des normes internationales

---

### Sources des divergences :

Il n'existe pas de données estimées à l'échelle internationale. Les données pour cet indicateur sont toutes produites par des pays et des centres régionaux ou internationaux.

## 7. Références et documentation

---

Correspondants nationaux pour le suivi du deuxième plan d'action mondial pour les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture et la préparation des rapports nationaux pour le troisième rapport sur l'état des ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde : <http://www.fao.org/agriculture/crops/thematic-sitemap/theme/seeds-pgr/gpa/national-focal-points/fr/>

Liste des descripteurs pour le rapport sur l'indicateur 2.5.1a de l'ODD, FAO 2021  
[http://www.fao.org/fileadmin/user\\_upload/wiews/docs/SDG\\_251a\\_data\\_requirement\\_sheet\\_table\\_FR.docx](http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/wiews/docs/SDG_251a_data_requirement_sheet_table_FR.docx)

Deuxième plan d'action mondial pour les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture : <http://www.fao.org/docrep/015/i2624f/i2624f00.htm>

Le deuxième rapport sur l'état des ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde <http://www.fao.org/docrep/013/i1500f/i1500f00.htm>

Normes applicables aux banques de gènes pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, FAO, 2014 <http://www.fao.org/publications/card/fr/c/db9bb2f1-da1a-5aa8-b9d7-507ddc2b570f>

Cibles et indicateurs applicables aux ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, dans le Rapport de la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la Quatorzième session ordinaire, CGRFA-14/13/Report, Annexe C  
<http://www.fao.org/3/mg538f/mg538f.pdf>

Rapport type pour le suivi de la mise en œuvre du deuxième plan d'action mondial pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, CGRFA-15/15/Inf.9,  
<http://www.fao.org/3/mm294f/mm294f.pdf>

(en anglais) « FAO/Bioversity Multi-Crop Passport Descriptor (MCPD) v. 2 »

[http://www.bioversityinternational.org/fileadmin/user\\_upload/online\\_library/publications/pdfs/FAO-Bioversity\\_multi\\_crop\\_passport\\_descriptors\\_V\\_2\\_Final\\_rev\\_1526.pdf](http://www.bioversityinternational.org/fileadmin/user_upload/online_library/publications/pdfs/FAO-Bioversity_multi_crop_passport_descriptors_V_2_Final_rev_1526.pdf)